


Modelos para enfermedades transmitidas por vectores y su factibilidad para Cuba

Models for vector-borne diseases and their feasibility for Cuba

Lucía Pila Almaguer^{1*}, Aymée de los Ángeles Marrero Severo²

Resumen El Grupo de Modelación Biomatemática de la Facultad de Matemática y Computación de la Universidad de La Habana tiene como objetivo abordar la problemática del dengue en Cuba. Este trabajo se enmarca dentro de las tareas de este grupo y se propone realizar un estudio y análisis de los modelos más frecuentes en el estado del arte de la modelación de enfermedades transmitidas por vectores, usando sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias. A partir del mismo, se analizarán las ventajas y desventajas de cada uno, así como su factibilidad para aplicarlos en el contexto cubano.

Palabras Clave: ecuaciones diferenciales ordinarias, enfermedades transmitidas por vectores, modelación matemática.

Abstract *The Biomathematical Modeling Group of the Faculty of Mathematics and Computer Science at the University of Havana focuses on addressing the dengue problem in Cuba. This work is part of the group's efforts and aims to conduct a study and analysis of the most common models in the state-of-the-art modeling of vector-borne diseases, using systems of ordinary differential equations. Based on this, the advantages and disadvantages of each model will be evaluated, as well as their feasibility for application in the Cuban context.*

Keywords: *ordinary differential equation, vector-borne diseases, mathematical modeling.*

Mathematics Subject Classification: 00A71, 34-02, 92-10, 92F05.

¹Facultad de Matemática y Computación, Universidad de La Habana, La Habana, Cuba. Email: lucia.pila@estudiantes.matcom.uh.cu.

²Departamento de Matemática Aplicada, Facultad de Matemática y Computación, Universidad de La Habana, La Habana, Cuba. Email: aymee@matcom.uh.cu.

*Autor para Correspondencia (Corresponding author)

Editado por (Edited by): Damian Valdés Santiago, Facultad de Matemática y Computación, Universidad de La Habana, La Habana, Cuba.

Citar como: Pila Almaguer, L., & Marrero Severo, A.A. (2024). Modelos para enfermedades transmitidas por vectores y su factibilidad para Cuba. *Ciencias Matemáticas*, 38(2), 111-116. DOI: <https://doi.org/10.5281/zenodo.17438628>. Recuperado a partir de <https://revistas.uh.cu/rcm/article/view/9793>.

Introducción

El dengue es una enfermedad viral transmitida por el mosquito *aedes aegypti*, que cuenta con cuatro serotipos. Afecta a individuos de todas las edades y sus síntomas varían desde fiebre, dolor de cabeza, dolores musculares y en las articulaciones, sarpullido, hasta otros. Puede progresar a formas más graves que se caracterizan por hemorragia, dificultad respiratoria y daños a los órganos [8].

En la actualidad constituye uno de los problemas más relevantes en salud pública del mundo. Particularmente en Cuba, de acuerdo con datos del Ministerio de Salud Pública, los niveles de infestación por mosquitos en los últimos años han sido muy elevados, y el 2022 se presentó como el año de más focos entre los últimos 15 años. A finales de julio

del 2022 existía transmisión en 11 provincias cubanas (Pinar del Río, La Habana, Matanzas, Villa Clara, Sancti Spiritus, Ciego de Ávila, Camaguey, Las Tunas, Holguín, Guantánamo y el Municipio Especial Isla de la Juventud) y se constató la circulación de los cuatro serotipos [10].

La modelación matemática es una de las formas de estudiar el impacto del dengue y las medidas más eficaces para su control y erradicación. Sin embargo, cada uno de los modelos existentes realiza suposiciones basadas en los datos con los que se dispone o el contexto en el que se pretende aplicarlo, para determinar las tasas de cambio de un comportamiento a otro y de qué parámetros depende. Estas decisiones influyen en la efectividad del modelo y en la factibilidad de su aplicación.

Por otro lado, es amplia la producción científica del Grupo de Modelación Biomatemática de la Facultad de Matemática y Computación de la Universidad de La Habana en el modelado y estudio del dengue [1, 2, 5].

El objetivo de este trabajo consiste en analizar críticamente cuatro de los modelos existentes en la literatura para el estudio del dengue y determinar qué características de ellos se pueden considerar para un modelo que describa la situación actual del dengue en Cuba.

La estructura de este trabajo es la siguiente: en la sección 1 se introduce la modelación matemática de enfermedades infecto-contagiosas a través de modelos compartimentales y, en particular, el modelo SIR. Luego, cada una de las secciones 2, 3, 4 y 5 está dedicada al análisis de uno de los cuatro modelos presentados en este trabajo. Finalmente, se presentan las conclusiones, recomendaciones y la bibliografía consultada.

Relevancia del estudio

La relevancia de este trabajo se debe a que la epidemia del dengue constituye uno de los problemas más relevantes en salud pública del mundo. Particularmente en Cuba, los niveles de infestación por mosquitos en los últimos años han sido muy elevados. Un modelo de ecuaciones diferenciales diseñado especialmente para su aplicación en Cuba ayudaría a enfrentar esta enfermedad, evaluando la eficacia de métodos de control y erradicación de la misma, al describir su posible avance bajo distintas condiciones.

1. Modelos compartimentales y SIR

Los modelos matemáticos aplicados al dengue se clasifican según su aleatoriedad en determinísticos o estocásticos. Los primeros utilizan datos conocidos y permiten establecer control sobre los factores que intervienen en el estudio del fenómeno. Estos no utilizan directamente datos estadísticos, sino métodos numéricos en la búsqueda de soluciones y la simulación en diferentes escenarios. En los segundos, no se conoce el resultado esperado sino su probabilidad, por lo que existe incertidumbre y las mismas condiciones iniciales pueden dar lugar a distintos resultados [8].

Para describir la dinámica de enfermedades infecto-contagiosas se utilizan los modelos epidemiológicos, que dividen a los individuos de una población en diferentes subpoblaciones según su característica epidémica en el instante de tiempo t .

Un modelo clásico es el SIR, propuesto por Kermack y McKendrick en 1927, que considera tres grupos: susceptibles (S), infectados (I) y recuperados (R) [3]. Para este tipo de modelos en los que se tienen en cuenta las interacciones entre las poblaciones, se utilizan principalmente los modelos compartimentales, que corresponden a los determinísticos, en los que se explica el paso de un individuo de un estado a otro, a partir de un conjunto de ecuaciones diferenciales ordinarias.

En la Figura 1, además de las tres variables ya mencionadas S, I y R, intervienen los parámetros β y γ , que representan

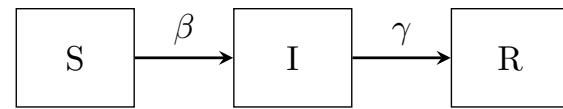


Figura 1. Diagrama compartimental del modelo SIR. [Compartmental diagram for a SIR model].

la tasa de transmisión y la tasa de recuperación de la enfermedad, respectivamente.

Matemáticamente, este modelo se formula de la siguiente forma:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (1)$$

Este es un modelo de población constante, tal que:

$$N = S + I + R.$$

Dado que el modelo describe enfermedades de transmisión por contacto directo, expresa que un infectado transmite la enfermedad a βN individuos por unidad de tiempo. Luego, sabiendo que la probabilidad de contacto entre un susceptible y un infectado es $I(S/N)$, el número de nuevas infecciones por unidad de tiempo es:

$$\beta N(I) \left(\frac{S}{N} \right) = \beta SI.$$

En el estudio particular de la transmisión del dengue es necesario introducir la dinámica poblacional del vector en el modelo, con la diferencia de que una vez infectados, los mosquitos nunca pasan al compartimento de recuperados.

Después de introducir el modelo SIR como una aproximación inicial para describir la propagación de enfermedades, es pertinente analizar modelos que incorporen interacciones entre humanos y vectores.

2. Modelo Ross McDonald

El modelo Ross McDonald para la transmisión de la malaria ha sido ajustado para analizar la dinámica del dengue en Cali, Colombia, con los datos de un brote epidémico de la enfermedad. Este modelo divide las poblaciones de humanos y mosquitos en susceptibles e infectados, pero solo describe la interacción entre los infectados de cada población [11].

El modelo considera poblaciones cerradas que se mantienen constantes en el tiempo. También se asume que las poblaciones son homogéneas en cuanto a susceptibilidad y exposición. No considera tiempos de incubación y adquisición de inmunidad en los individuos. Tampoco se tiene en cuenta la muerte de humanos, ya sea por causas naturales o debida a la propia enfermedad.

El sistema de ecuaciones diferenciales correspondiente a este modelo es el siguiente:

$$\begin{cases} \frac{dm}{dt} = \alpha p_m h(1 - m) - \delta m \\ \frac{dh}{dt} = \alpha p_h \frac{M}{H} m(1 - h) - \gamma h \end{cases} \quad (2)$$

Las variables que intervienen son m y h que denotan la proporción de mosquitos y humanos infectados, respectivamente. Los parámetros son: la cantidad de mosquitos hembra por persona ($\frac{M}{H}$), la tasa de picadas por día (α), las probabilidades de infección de humano susceptible por mosquito infectado y de mosquito susceptible por humano infectado (p_h y p_m , respectivamente), la tasa de recuperación de humanos (γ) y la tasa per cápita de muerte de mosquitos (δ).

En el trabajo referenciado llegaron a la conclusión de que la proporción de humanos infectados crece considerablemente cuando al inicio es mucho mayor la proporción de mosquitos infectados que la de humanos infectados. También hallaron un comportamiento similar si la tasa de picadura o la proporción de mosquitos por persona es elevada. Por tanto, expresan que resulta de crucial importancia tomar medidas dirigidas a controlar la población de mosquitos.

Si bien el modelo Ross McDonald ofrece información sobre las interacciones entre humanos y mosquitos infectados, el siguiente modelo amplía el análisis al incluir una representación de las poblaciones susceptibles humanas y del vector, así como de los humanos recuperados.

3. Modelo SIR+SI

El modelo que se describe en [7] sigue el modelo clásico SIR y añade otro de forma SI para la población de mosquitos.

El sistema de ecuaciones diferenciales correspondiente es:

$$\begin{cases} \frac{dS_h}{dt} = A_h - \frac{bp_h S_h I_v}{N_h} - \mu_h S_h \\ \frac{dI_h}{dt} = \frac{bp_h S_h I_v}{N_h} - \gamma I_h - \mu_h I_h \\ \frac{dR_h}{dt} = \gamma I_h - \mu_h R_h \\ \frac{dS_v}{dt} = A_v - \frac{bp_v S_v I_h}{N_h} - \mu_v S_v \\ \frac{dI_v}{dt} = \frac{bp_v S_v I_h}{N_h} - \mu_v I_v \end{cases} \quad (3)$$

De acuerdo con [6], el diagrama compartimental de este modelo de transmisión del dengue se puede apreciar en la Figura 2. En la figura, A_h y A_v son las tasas de reclutamiento de población humana y del vector, respectivamente; N_h y N_v es el número de población humana y de mosquitos, respectivamente; S_h , I_h y R_h es la cantidad de humanos susceptibles, infectados y recuperados o inmunizados, respectivamente; S_v e I_v es el número de mosquitos susceptibles e infectados, respectivamente; p_h y p_v son las probabilidades de transmisión dentro de la población humana y del vector; μ_h es la tasa de

nacimiento y muerte de la población humana; μ_v la tasa de muerte de los mosquitos; γ es la tasa de recuperación de los humanos; y b la tasa de picaduras de mosquito.

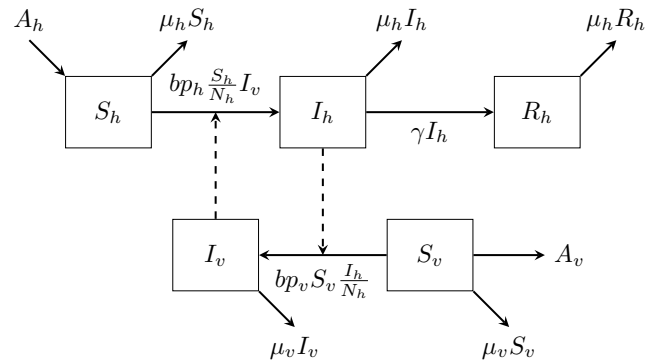


Figura 2. Diagrama compartimental del modelo SRI-SI. [Compartmental diagram of SRI-SI model].

El modelo (3) brinda más información que el modelo (2), primeramente porque no modela únicamente las poblaciones infectadas. Además, no considera una población cerrada, aunque N_h y N_v serán constantes tal que: $S_h + I_h + R_h = N_h = A_h / \mu_h$ y $S_v + I_v = N_v = A_v / \mu_v$.

Este modelo aporta información valiosa al considerar tanto humanos como mosquitos susceptibles e infectados. Sin embargo, para entender mejor el impacto del vector en la transmisión del dengue, resulta interesante incorporar el ciclo de vida completo del vector.

4. Modelo con ciclo de vida del vector

A continuación, se presenta un modelo que incorpora el ciclo de vida del mosquito, incluyendo los estados de huevo, cuatro fases larvianas, pupa y adulto [4]. Las ecuaciones que lo definen se muestran en (4).

Las variables de este modelo son: H_S , H_I y H_R que representan la población de humana susceptibles, infectada y recuperada, respectivamente; M_S y M_I son la población de mosquitos susceptibles e infectados, respectivamente; y E_S y E_I son las poblaciones de huevos de mosquitos susceptibles e infectados, respectivamente, que incluyen todas las fases no adultas del mosquito (huevo, larva y pupa).

Los parámetros son los siguientes: α es la tasa de transmisión de humano a mosquito; g es la proporción de huevos infectados; μ_H y r_H son las tasas de mortalidad y natalidad de humanos, respectivamente; k_H es el tamaño de la población humana; α_H y γ_H son las tasas de mortalidad y recuperación de la enfermedad, respectivamente; p_S tasa de eclosión de los huevos no infectados; μ_M tasa de mortalidad del mosquito; r_M tasa de deposición diaria de huevos; p_I tasa de eclosión de los huevos infectados; k_E el número máximo de huevos y μ_E la mortalidad natural de los huevos.

Este modelo refleja la importancia de evaluar cómo inciden las campañas de fumigación y otros métodos de eliminación del mosquito, sus huevos y larvas en la erradicación

o disminución de la epidemia del dengue. Sin embargo, se determinó que la evolución correcta del modelo es altamente

sensible a los valores de los parámetros involucrados [4].

$$\begin{cases} \frac{dH_S}{dt} = -\alpha M_I \frac{H_S}{N_H} - \mu_H H_S + r_H N_H \left(1 - \frac{N_H}{k_H}\right) \\ \frac{dH_I}{dt} = \alpha M_I \frac{H_S}{N_H} - (\mu_H + \alpha_H + \gamma_H) H_I \\ \frac{dH_R}{dt} = \gamma_H H_I + \mu_H H_R \\ \frac{dM_S}{dt} = p_S E_S - \mu_M M_S - \alpha M_S \frac{H_I}{N_H} \\ \frac{dM_I}{dt} = \alpha M_S \frac{H_I}{N_H} + p_I E_I - \mu_M M_I \\ \frac{dE_S}{dt} = [r_M (M_S + (1-g)M_I)] \left[1 - \frac{E_S + E_I}{k_E}\right] - p_S E_S - \mu_E E_S \\ \frac{dE_I}{dt} = gr_M M_I \left[1 - \frac{E_S + E_I}{k_E}\right] - p_S E_S - \mu_E E_S \end{cases} \quad (4)$$

Tras examinar cómo las distintas etapas del ciclo de vida del mosquito afectan la dinámica del dengue, se valoró considerar en la modelación las estrategias para controlar su población y mitigar la transmisión. A continuación, se presenta un modelo que incorpora las medidas de control tanto para los mosquitos como para los humanos.

5. Modelo con medidas de control

En el último modelo analizado en este trabajo, también se considera el ciclo de vida del vector [9]. Por eso, la población de mosquitos se divide en dos subpoblaciones: mosquitos inmaduros y mosquitos maduros. En la primera, se incluyen las tres fases iniciales del ciclo de vida, o la etapa acuática del vector. En la segunda, se encuentra la última fase del ciclo, la etapa aérea, donde se incluyen, tanto los mosquitos portadores como los no portadores del virus. También se considera inmune a los humanos recuperados de la enfermedad.

En este modelo intervienen las variables y los parámetros siguientes: x_1 , x_2 y x_3 son el número promedio de personas susceptibles, infecciosas y con inmunidad respectivamente; y_1 y y_2 son el número promedio de mosquitos maduros no portadores y portadores, respectivamente; z_1 , z_2 , z_3 son el número promedio de huevos, larvas y pupas viables, respectivamente; N es el tamaño total de la población humana y Y la de los mosquitos maduros donde $Y = y_1 + y_2$; η es la tasa de personas susceptibles que ingresan a la población; β_x y β_y son las probabilidades de transmisión del virus del humano al mosquito y del mosquito al humano, respectivamente; θ es la tasa de personas infectadas que adquieren la inmunidad; μ es la tasa de muerte natural en los humanos y δ la de muerte por factores ambientales del mosquito; ϕ es la tasa de ovoposición de los mosquitos maduros; ω_1 es la tasa de huevos que pasan al estado larval; ω_2 es la tasa de larvas que pasan al estado

de pupa; ω_3 es la tasa de pupas que pasan al estado de mosquito maduro; ε_1 , ε_2 , ε_3 son las tasas de mortalidad natural de huevos, larvas y pupas, respectivamente; τ es el tiempo que se tarda una persona infectada en adquirir la inmunidad; T_1 , T_2 , T_3 son los tiempos de desarrollo de huevos, larvas y pupas respectivamente; u_1 es la efectividad del control a la población humana con medidas preventivas; u_2 es la efectividad del control a la población de mosquitos maduros con insecticidas; u_3 es la efectividad del control a la población de mosquitos inmaduros con larvicidas o medidas preventivas.

La población, una vez más no es cerrada, pero sí constante cuando $\eta = \mu$: $N = x_1 + x_2 + x_3$.

Así resulta el sistema de ecuaciones del modelo en cuestión:

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = \eta N - \beta_y (1 - u_1) \frac{y_2}{Y} x_1 - \mu x_1 \\ \frac{dx_2}{dt} = \beta_y (1 - u_1) \frac{y_2}{Y} x_1 - \theta x_2 (t - \tau) - \mu x_2 \\ \frac{dx_3}{dt} = \theta x_2 (t - \tau) - \mu x_3 \\ \frac{dy_1}{dt} = \omega_3 z_3 (t - T_3) - \beta_x \frac{x_2}{N} y_1 - (\delta + u_2) y_1 \\ \frac{dy_2}{dt} = \beta_x \frac{x_2}{N} y_1 - (\delta + u_2) y_2 \\ \frac{dz_1}{dt} = \phi (y_1 + y_2) - \omega_1 z_1 (t - T_1) - (\varepsilon_1 + u_3) z_1 \\ \frac{dz_2}{dt} = \omega_1 z_1 (t - T_1) - \omega_2 z_2 (t - T_2) - (\varepsilon_2 + u_3) z_2 \\ \frac{dz_3}{dt} = \omega_2 z_2 (t - T_2) - \omega_3 z_3 (t - T_3) - (\varepsilon_3 + u_3) z_3 \end{cases} \quad (5)$$

Los términos $\beta_y (1 - u_1) (y_2/Y) x_1$ y $\beta_x (x_2/N) y_1$ representan el número de personas susceptibles que adquieren el virus y el número promedio de mosquitos maduros no portadores que adquieren el virus, respectivamente.

En las primeras tres ecuaciones μx_1 , μx_2 y μx_3 describen el número de personas susceptibles, infectadas y recuperadas que mueren de causas naturales o, en el caso de los infectados, por causa de la enfermedad.

En la segunda ecuación, $\theta x_2(t - \tau)$ representa el número de personas que se recupera de la enfermedad en un tiempo τ .

Los términos $\omega_1 z_1(t - T_1)$, $\omega_2 z_2(t - T_2)$, $\omega_3 z_3(t - T_3)$ representan el número promedio de huevos, pupas y larvas, respectivamente, que pasaron al siguiente estado correspondiente en el ciclo de vida del mosquito, en los tiempos T_1 , T_2 , T_3 .

El número promedio de mosquitos maduros no portadores que mueren por causas naturales o por la aplicación de control es $(\delta + u_2)y_1$, mientras que el de los mosquitos maduros portadores es $(\delta + u_2)y_2$.

Por último, $\phi(y_1 + y_2)$ representa el número promedio de huevos ovopositados por los mosquitos maduros y los términos $(\varepsilon_1 + u_3)z_1$, $(\varepsilon_2 + u_3)z_2$ y $(\varepsilon_3 + u_3)z_3$ son los números promedios de huevos, larvas y pupas, respectivamente, que no desarrollan y mueren por causas naturales o por la aplicación del control.

Este modelo permite no solo comprobar que es necesario el control de la población del mosquito para el control de la propagación del dengue, sino que, además, permite evaluar la efectividad de distintos métodos de control y distintas combinaciones de estos.

Conclusiones

A partir del estudio realizado, del que sólo se muestran en este trabajo los modelos representativos, se considera que disímiles modelos de similar naturaleza reportan análisis de experimentaciones computacionales donde se han estimado parámetros fundamentales en la transmisión de este tipo de enfermedades, reportándose dificultades en el ajuste de los mismos principalmente por falta de datos en problemas con un apreciable número de parámetros. Ver, por ejemplo, [2, 4].

Para la aplicación en Cuba, sería conveniente un modelo con medidas de control (como el modelo (5)), pues permitiría evaluar las intervenciones que impactan en las poblaciones adultas y larvales del mosquito, particularmente, la fumigación y la eliminación de hospederos, que son las principales medidas de control que se aplican para combatir esta enfermedad en nuestro país.

Para cumplir con tales propósitos, se precisaría contar con datos relacionados con la mortalidad del mosquito adulto y la natalidad de larvas.

Para trabajos futuros se recomienda considerar técnicas de manejo de datos y comparación de resultados con otro tipo de modelos no deterministas.

Suplementos

Este artículo no contiene información suplementaria.

Conflictos de interés

Los autores declaran que no hubo subvenciones involucradas en este trabajo. Se declara que no existen conflictos de interés.

Contribución de autoría

Conceptualización A.A.M.S., L.P.A.

Investigación A.A.M.S., L.P.A.

Administración de proyecto A.A.M.S.

Supervisión A.A.M.S.

Visualización L.P.A.

Redacción: preparación del borrador original L.P.A.

Redacción: revisión y edición A.A.M.S., L.P.A.

Referencias

- [1] Barrios, J., M. Goncalves, L. Prudente, and A. Marrero: *A dengue model with multiple serotypes interactions*. In *Proceedings of ICOR 2014*, Havana, Cuba, 2014.
- [2] Barrios, J., A. Pietrus, A. Marrero, H. De-Araoz, and G. Joya: *Dengue model described by differential inclusions*. In Cabestany, J., I. Rojas, and G. Joya (editors): *Advances in Computational Intelligence*, volume 6692 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 540–547. Springer Berlin Heidelberg, 2011, ISBN 978-3-642-21498-1. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-21501-8>.
- [3] Brauer, F., C. Castillo-Chávez, and Z. Feng: *Mathematical Models in Epidemiology*. Springer, 2019. <https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-4939-9828-9>.
- [4] De-Araoz, H., A. Sánchez, A. Marrero, J. Barrios, T. Noriega y M.E. García: *Un enfoque en la modelación matemática y análisis preliminar de problemas epidemiológicos. Una aplicación a un modelo de dengue en Cuba*. En García-Rodríguez, J.F. y C.N. Bouza-Herrera (editores): *Investigación Aplicada a la Salud: Una mirada desde la Investigación de Operaciones*, páginas 110–117. Ultra Digital Press S.A., 2010, ISBN 968-5518-27-0. <https://www.uv.mx/personal/mojeda/files/2012/04/4.libroujat2010.pdf>.
- [5] Delgado, E.M. y A. Marrero: *Estudio estocástico con el uso de cadenas de Markov para la transmisión del dengue*. *Uniciencia*, 32(1):108–117, 2018. <https://doi.org/10.15359/ru.32-1.7>.
- [6] Esteva, L. and C. Vargas: *Analysis of a dengue disease transmission model*. *Mathematical Biosciences*, 150(2):131–151, 1998. [https://doi.org/10.1016/s0025-5564\(98\)10003-2](https://doi.org/10.1016/s0025-5564(98)10003-2).

- [7] Esteva, L. and C. Vargas: *A model for dengue disease with variable human population*. Journal of Mathematical Biology, 38(3):220–240, 1999. <https://doi.org/10.1007/s002850050147>.
- [8] Guzmán, M.G.: *Dengue*. Editorial Ciencias Médicas, 2014, ISBN 978-959-212-909-2. https://www.researchgate.net/publication/314419809_Dengue_Coleccion_de_Autores_Cubanos_ECIMED.
- [9] López, L.E., A. Muñoz-Loaiza, G. Olivar-Tost y J. Betancourt-Bethencourt: *Modelo matemático para el control de la transmisión del Dengue*. Revista de Salud Pública, 14(3):512–523, 2012. <https://www.scielosp.org/pdf/rsap/2012.v14n3/512-523>.
- [10] Salud, Organización Panamericana de la: *Dengue en Las Américas*. Boletín de Cooperación Técnica en Cuba: Andar la Salud, 26(2):30–37, 2022. <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56494>.
- [11] Sepúlveda, L.S., O. Vasilieva, H.J. Martínez-Romero y J.H. Arias-Castro: *Ross McDonald: Un modelo para la dinámica del dengue en Cali, Colombia*. Revista de Salud Pública, 17(5):749–761, 2016. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0124-00642015000500009.

